

8. Approches phylogénétiques de la taxonomie du genre badnavirus

Emmanuelle Muller

CIRAD UMR BGPI, TA A54/K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5

A l'heure actuelle et selon l'ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses), deux virus du genre badnavirus appartiennent à des espèces différentes si l'un ou l'autre des critères suivants est rempli :

- il existe + de 20% de divergence entre les séquences nucléotidiques dans la région RT-RNaseH du génome (pas de taille minimum de séquence précisée)
- les hôtes sont différents
- la spécificité de vecteur est différente

De nouvelles séquences entières ou partielles de badnavirus sont produites régulièrement et mises à disposition sur Genbank, certaines remettant en cause la classification liée au type de plante hôte. La variabilité importante des badnavirus rend peu aisé le choix de la partie du génome à étudier qui « résumerait » la variabilité globale. En effet, il existe environ 47% identité entre une espèce de badnavirus et le Rice tungro bacilliform virus (RTBV) représentant le genre des tungrovirus et il existe seulement autour de 50% entre deux badnavirus éloignés.

L'existence de motifs consensus sur la 3ème partie de l'ORF3 et sur le site d'accrochage au tRNAm^{et} a permis le design de différents couples d'amorces badnavirus « universelles » badna2/badnaT (1993), Badna2.1/3.1 (1996), Badna1/4 (2002), BadnaF/R (2003). Les motifs de type RTase et RNaseH, correspondant aux sites d'accrochage de la plupart de ces amorces, sont, malheureusement, également présents sur des séquences de rétrotransposons. Les séquences amplifiées par ces amorces ont néanmoins permis de générer de nombreuses séquences de badnavirus libres ou intégrées qui ont abouti à la construction de nombreuses phylogénies de badnavirus. Ces phylogénies ne sont cependant pas toujours cohérentes avec les phylogénies obtenues d'après l'alignement des séquences entières. Il n'y a en fait pas eu de réflexion sur le choix d'une zone adaptée à la classification taxonomique du genre badnavirus puisque la région du génome utilisée pour la classification correspond par défaut à la région du génome des badnavirus disponible majoritairement sur Genbank et il est impossible d'obtenir systématiquement des séquences entières pour classer ce genre de virus. Afin de mieux comprendre la diversité des badnavirus voire proposer des réaménagements de leur taxonomie, il est nécessaire de se baser sur des phylogénies utilisant des régions du génome représentatives du génome complet. Des études phylogénétiques plus poussées qui permettent d'implémenter des taux d'évolution différents selon les groupes de séquences ont également besoin de ce type de résultat.

Pour remédier à ce manque d'informations phylogénétiques pertinentes, le génome des badnavirus entièrement séquencés (20 séquences) a été découpé en morceaux et des phylogénies ont été construites en alignant les différentes zones obtenues. Les phylogénies construites avec le logiciel Phyml (maximum de vraisemblance) sont présentées et discutées ; une portion du génome ne produisant que peu de distorsions par rapport aux phylogénies basées sur les séquences entières est proposée.